



CT/FR 99 / 0 2 7 3 9

REC'D 29 NOV 1999

WIPO PCT

BREVET D'INVENTION

CERTIFICAT D'UTILITÉ - CERTIFICAT D'ADDITION**DOCUMENT DE
PRIORITÉ**PRÉSENTÉ OU TRANSMIS
CONFORMÉMENT À LA REGLE
17.1.a) OU b)**COPIE OFFICIELLE**

Le Directeur général de l'Institut national de la propriété industrielle certifie que le document ci-annexé est la copie certifiée conforme d'une demande de titre de propriété industrielle déposée à l'Institut.

Fait à Paris, le **16 AOUT 1999**Pour le Directeur général de l'Institut
national de la propriété industrielle
Le Chef du Département des brevets

Martine PLANCHE

INSTITUT
NATIONAL DE
LA PROPRIÉTÉ
INDUSTRIELLESIEGE
26 bis, rue de Saint Petersburg
75800 PARIS Cédex 08
Téléphone : 01 53 04 53 04
Télécopie : 01 42 93 59 30



■

■

■

■

■

REQUÊTE EN DÉLIVRANCE

26 bis, rue de Saint Pétersbourg
75800 Paris Cedex 08
Téléphone : (1) 42.94.52.52 Télécopie : (1) 42.93.59.30

Confirmation d'un dépôt par télécopie ☐

Cet imprimé est à remplir à l'encre noire en lettres capitales

Réservé à l'INPI

DATE DE REMISE DES PIÈCES

N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL

DÉPARTEMENT DE DÉPÔT

DATE DE DÉPÔT

10 NOV 1998

98 14147

10 NOV. 1998

1 NOM ET ADRESSE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE
À QUI LA CORRESPONDANCE DOIT ÊTRE ADRESSÉE

Hoechst Marion Roussel
Monsieur VIEILLEFOSSE Jean-Claude
102, Route de Noisy
93235 ROMAINVILLE CEDEX

n° du pouvoir permanent pg06335 références du correspondant ML/2504 téléphone 0149915727

2 DEMANDE Nature du titre de propriété industrielle

☐ brevet d'invention ☐ demande divisionnaire

☐ certificat d'utilité ☐ transformation d'une demande de brevet européen

☒ demande initiale

☐ brevet d'invention

☐ certificat d'utilité n°

date

Établissement du rapport de recherche

☐ diffère ☒ immédiat

Le demandeur, personne physique, requiert le paiement échelonné de la redevance

☐ oui

☒ non

Titre de l'invention (200 caractères maximum) Gène tfIIIA de Candida albicans (CatfIIIA) et la protéine codée CATFIIIA.

3 DEMANDEUR (S) n° SIREN 5 5 2 0 8 1 4 7 3 code APE-NAF

Nom et prénoms (souligner le nom patronymique) ou dénomination

Hoechst Marion Roussel

Forme juridique

Société Anonyme à
Directoire et Conseil
de Surveillance

Nationalité (s) FRANCAISE

Adresse (s) complète (s)

1, Terrasse Bellini
92800 PUTEAUX

Pays

FRANCE

En cas d'insuffisance de place, poursuivre sur papier libre ☐

4 INVENTEUR (S) Les inventeurs sont les demandeurs

☐ oui

☒ non

Si la réponse est non, fournir une désignation séparée

5 RÉDUCTION DU TAUX DES REDEVANCES

☐ requise pour la 1ère fois

☐ requise antérieurement au dépôt : joindre copie de la décision d'admission

6 DÉCLARATION DE PRIORITÉ OU REQUÊTE DU BÉNÉFICE DE LA DATE DE DÉPÔT D'UNE DEMANDE ANTÉRIEURE

pays d'origine

numéro

date de dépôt

nature de la demande

7 DIVISIONS antérieures à la présente demande n°

date

n°

date

8 SIGNATURE DU DEMANDEUR OU DU MANDATAIRE

(nom et qualité du signataire - n° d'inscription)

Jean Claude VIEILLEFOSSE

SIGNATURE DU PRÉPOSÉ À LA RÉCEPTION

SIGNATURE APRES ENREGISTREMENT DE LA DEMANDE À L'INPI



BREVET D'INVENTION, CERTIFICAT D'UTILITE

DÉSIGNATION DE L'INVENTEUR

(si le demandeur n'est pas l'inventeur ou l'unique inventeur)

DIVISION ADMINISTRATIVE DES BREVETS

26bis, rue de Saint-Petersbourg
75800 Paris Cédex 08
Tél. : 01 53 04 53 04 - Télécopie : 01 42 93 59 30

N° D'ENREGISTREMENT NATIONAL

9814147 Cas 2504

TITRE DE L'INVENTION : Gène tfIIIIA de Candida albicans (CatfIIIIA) et la protéine codée CATfIIIIA.

LE(S) SOUSSIGNÉ(S) Jean Claude VIEILLEFOSSE

DÉSIGNE(NT) EN TANT QU'INVENTEUR(S) (indiquer nom, prénoms, adresse et souligner le nom patronymique) :

- . BORDON-PALLIER Florence
37, Boulevard Beethoven
78280 GUYANCOURT
- . CAMIER Sylvie
66 Oakmont Avenue
PIEMONT, CA 94610
USA
- . SENTENAC André
Service de Biochimie et génétique moléculaire
Bât. 142
CEA/SACLAY
91191 GIF SUR YVETTE CEDEX

NOTA : A titre exceptionnel, le nom de l'inventeur peut être suivi de celui de la société à laquelle il appartient (société d'appartenance) lorsque celle-ci est différente de la société déposante ou titulaire.

Date et signature (s) du (des) demandeur (s) ou du mandataire


Jean Claude VIEILLEFOSSE

Gène tfIIIA de Candida albicans (CatfIIIA) et la
protéine codée CATFIIIA.

La présente invention concerne le facteur de transcrip-
5 tion de Candida albicans nommé ci-après CATFIIIA et ses
analogues ainsi que les polynucléotides (ARN, ADN) codant
pour cette protéine ou pour les polypeptides analogues de
cette protéine.

La présente invention concerne également le procédé de
10 préparation de ces polypeptides et polynucléotides, leur
utilisation pour l'étude des mécanismes de la transcription
chez Candida albicans et pour la préparation d'inhibiteurs de
ce facteur de transcription CATFIIIA pouvant être utilisés
comme agent antifongiques et les compositions pharmaceutiques
15 contenant de tels inhibiteurs.

La présente invention concerne donc notamment un nouveau
facteur de transcription de Candida albicans et la séquence
d'ADN codant pour ce facteur de transcription, leur prépara-
tion et leurs utilisations.

20 Nous utiliserons également ci-après les abréviations
suivantes : AA pour acides aminés, AN pour acides nucléiques,
ARN pour acide ribonucléique, RNase pour ribonucléase, ADN ou
DNA pour acide désoxyribonucléique, ADNc pour ADN
complémentaire, pb pour paires de bases, PCR pour réaction en
25 chaîne par une polymérase, CA ou Candida a. pour Candida
albicans et SC ou Saccharomyces c. pour Saccharomyces
cerevisiae.

On utilisera également le terme screening qui désigne
une technique de criblage spécifique et le terme primer qui
30 désigne un oligonucléotide utilisé en amorce.

Le terme polynucléotides désigne ci-après les
polynucléotides de la présente invention soit les séquences
d'ADN et également ARN codant pour le facteur CATFIIIA de la
présente invention et ses homologues ayant la même fonction
35 de facteur de transcription. Le terme CATfIIIA a le sens
donné ci-dessus à polynucléotides.

Le terme polypeptides désigne ci-après les polypeptides
de la présente invention soit le facteur CATFIIIA de la

présente invention et ses analogues ou homologues fonctionnels tels que définis ci-après, ayant donc la même fonction de facteur de transcription. Le terme CATFIIIA a le sens donné ci-dessus à polypeptides.

5 Nous appellerons tfIIIA (ou tfC2) le gène codant pour le facteur de transcription TFIIIA tandis que CatfIIIA (ou CATfC2) désigne le gène codant pour le facteur de transcription de *Candida albicans* CATFIIIA.

10 Le spectre des infections fongiques connues s'étend de l'attaque fongique de la peau ou des ongles à des infections mycotiques plus graves d'organes internes. De telles infections et les maladies qui en résultent sont identifiées comme des mycoses. Des substances antimycotiques à effets fongistatiques ou fongicides, sont utilisées pour le
15 traitement de ces mycoses.

La présente invention concerne ainsi l'identification de substances antimycotiques et notamment de substances anti-*Candida albicans*.

20 La présente invention concerne ainsi des inhibiteurs de facteurs de transcription pouvant être utilisés comme agents antifongiques.

Candida albicans est une levure pathogène qui cause des maladies infectieuses dans l'organisme humain. Dans le but de trouver des moyens de traiter des maladies, on peut choisir
25 des cibles intracellulaires et le facteur de transcription TFIIIA peut être l'une de ces cibles.

Dans les organismes eucaryotes, ce facteur joue un rôle clé dans l'initiation de la transcription des gènes ARN 5S par la RNA-polymérase III. En particulier, pour SC qui est une
30 levure proche de CA, il a été montré que cette levure SC ne pouvait pas survivre sans une source supplémentaire de ARN 5S lorsque le gène chromosomique du facteur TFIIIA était interrompu, cet ARN 5S additionnel étant synthétisé au moyen d'un plasmide sans la participation du facteur TFIIIA (référence:
35 S. Camier, A.-M. Dechampesme, A. Sentenac./Proc. Natl. Acad. Sci. (1995) 92, 9338-9342).

Le gène tfIIIA et la protéine correspondante TFIIIA seraient impliqués dans la régulation du mécanisme biologique

de la transcription comme indiqué ci-après.

Depuis que la protéine TFIIIA a été purifiée comme facteur de transcription pour la première fois en 1980 à partir d'ovocytes de Xénope [Segall et al, J. Biol. Chem., 5 255, 11986-11991 (1980)], des travaux ont été menés in vivo et in vitro dans le Xénope pour étudier le mécanisme de contrôle de la transcription exercé par TFIIIA. On a ainsi montré que TFIIIA de Xénope est nécessaire pour l'initiation de la transcription du gène ARN 5S [Sakonji et al, Cell 19, 10 13-25 (1980)] et se lie à une région de contrôle interne du gène ARN 5S [Bogenghagen et al, Cell, 19, 27-35 (1980)].

La séquence en nucléotides de l'ADNc de tfIIIA de xénope et la séquence correspondante en acides aminés ont déjà été publiées [Ginberg et al, Cell, 39, 479-489 (1984)]. On peut 15 noter que ce gène code pour une protéine ayant 9 doigts de zinc, un doigt de zinc correspondant à un motif contenant deux cystéines et deux histidines reliées par un atome de zinc (CYS2 HIS2) (C2H2). Cette structure en doigt de zinc constitue un domaine de liaison des protéines à l'ADN et est 20 donc considérée comme un domaine essentiel pour un groupe de protéines qui se lient à l'ADN (DNA binding proteins). [Miller et al, Embo J., 4, 1607-1614 (1985)]

On peut noter que l'on connaît d'autres facteurs de transcription se liant à l'ADN qui possèdent également cette 25 structure en doigt de zinc tels que par exemple, chez l'être humain, XT1 du gène de la tumeur humaine de Wilms, [Gessier et al, Nature, 343, 774-778 (1990)], le répresseur humain de transcription YY1 [Shi et al, Cell, 67, 377-388 (1991)], la protéine MAZ associée au promoteur cMYC [Bossone et al, Proc. 30 Natl. Acad. Sci., USA, 89, 7452-7456 (1992)] ou encore spl [Kuwahara et al, J. Biol. Chem, 265, 8627-8631 (1990)].

L'étude de différents organismes tels que notamment l'homme, le xénope ou Candida albicans a montré qu'il existe ce que l'on peut appeler une famille de facteurs de trans- 35 criptions TFIIIA possédant les caractéristiques suivantes :

- ils sont associés à l'ARN polymérase III
- ils possèdent 9 doigts de zinc
- ils sont indispensables pour la transcription du gène

codant pour l'ARN 5S.

Une fonction essentielle connue de la protéine codée par le gène *tfIIIA* (*tfC2*) de la levure est d'initier la transcription du gène de l'ARN 5S chez *Saccharomyces cerevisiae* (Camier et al., Proc. Natl. Acad. Sa USA (1995) 92 : 9338-9342).

La présente invention a ainsi permis d'isoler les polynucléotides ADN et ARN codant pour la protéine du facteur de transcription *CATFIIIA* de *Candida albicans* et de révéler leurs séquences nucléotidiques.

La présente invention a donc pour objet un polynucléotide isolé contenant une séquence nucléotidique choisie dans le groupe suivant :

- a) un polynucléotide ayant au moins 50 % ou au moins 60% et de préférence au moins 70 % d'identité avec un polynucléotide codant pour un polypeptide ayant la fonction de facteur de transcription et ayant une séquence en acides aminés homologue de la séquence SEQ ID N°3 indiquée ci-après.
- b) un polynucléotide complémentaire du polynucléotide a)
- c) un polynucléotide comprenant au moins 15 bases consécutives du polynucléotide défini en a) et b).

La présente invention a ainsi pour objet un polynucléotide défini ci-dessus tel que ce polynucléotide est un ADN.

La présente invention a ainsi pour objet un polynucléotide défini ci-dessus tel que ce polynucléotide est un ARN

La présente invention a plus précisément pour objet le polynucléotide tel que défini ci-dessus comprenant la séquence de nucléotides SEQ ID N°1.

La présente invention a ainsi permis d'isoler la séquence d'ADN codant pour le facteur de transcription de *Candida albicans* *CATFIIIA*.

La présente invention a également permis de révéler la séquence d'acides nucléiques du gène *CATfIIIA* et également la séquence d'acides aminés de la protéine *CATFIIIA* codée par ce gène.

La présente invention a ainsi pour objet une séquence d'ADN telle que définie par le polynucléotide ci-dessus

caractérisée en ce que cette séquence d'ADN est celle du gène CATfIIIA codant pour une protéine ayant la fonction biologique du facteur de transcription de Candida albicans CATfIIIA et contenant la séquence de nucléotides SEQ ID N01

5 Une telle séquence SEQ ID n°1 de la présente invention comprend donc 2060 nucléotides.

La présente invention a précisément pour objet une séquence d'ADN telle que définie ci-dessus ayant la séquence commençant au nucléotide 720 et se terminant au nucléotide

10 1955 de SEQ ID N01.

Une telle séquence comprend donc 1236 nucléotides.

La présente invention a aussi pour objet la séquence d'ADN du gène CATfIIIA telle que définie ci-dessus codant pour la séquence d'acides aminés SEQ ID N°3.

15 La séquence SEQ ID N°3 comprend donc 412 AA.

La présente invention a particulièrement pour objet la séquence d'ADN codant pour le facteur de transcription CATfIIIA telle que définie ci-dessus ainsi que les séquences d'ADN qui hybrident avec celle-ci et/ou présentent des

20 homologues significatives avec cette séquence ou des fragments de celle-ci et ayant la même fonction.

La présente invention a également pour objet une séquence d'ADN telle que définie ci-dessus comprenant des modifications introduites par suppression, insertion et/ou

25 substitution d'au moins un nucléotide codant pour une protéine ayant la même activité biologique que le facteur de transcription CATfIIIA.

La présente invention a notamment pour objet la séquence d'ADN telle que définie ci-dessus ainsi que les séquences

30 d'ADN qui ont une homologie de séquence nucléotidique d'au moins 50 % ou au moins 60 % et de préférence au moins 70 % avec ladite séquence d'ADN.

La présente invention a ainsi également pour objet la séquence d'ADN telle que définie ci-dessus ainsi que les

35 séquences d'ADN qui codent pour une protéine de fonction similaire dont la séquence en AA a une homologie d'au moins 40 % et notamment de 45 % ou d'au moins 50 %, plutôt au moins 60 % et de préférence au moins 70 % avec la séquence

en AA codée par ladite séquence d'ADN.

Par séquences qui hybrident, on inclut les séquences d'ADN qui hybrident avec l'une des séquences d'ADN ci-dessus sous des conditions standard de stringence élevée, moyenne ou
 5 basse et qui codent pour un polypeptide ayant la même fonction de facteur de transcription. Les conditions de stringence sont celles réalisées dans les conditions connues de l'homme du métier telles que celles décrites par Sambrook et al, Molecular cloning, Cold Spring Harbor Laboratory
 10 Press, 1989. De telles conditions de stringence sont par exemple une hybridation à 65°C, pendant 18 heures dans une solution 5 x SSPE ; 10 x Denhardt's ; 100µg/ml ADNss ; 1 % SDS suivie de 3 lavages pendant 5 minutes avec 2 x SSC ; 0,05 % SDS, puis 3 lavages pendant 15 minutes à 65°C dans 1 x
 15 SSC ; 0,1 % SDS. Les conditions de forte stringence comprennent par exemple une hybridation à 65°C, pendant 18 heures dans une solution 5 x SSPE ; 10 x Denhardt ; 100µg/ml ADNss ; 1 % SDS suivie de 2 lavages pendant 20 minutes avec une solution 2 x SSC ; 0,05 % SDS à 65°C suivis d'un dernier
 20 lavage pendant 45 minutes dans une solution 0,1 x SSC ; 0,1 % SDS à 65°C. Les conditions de stringence moyenne comprennent par exemple un dernier lavage pendant 20 minutes dans une solution 0,2 x SSC, 0,1 % SDS à 65°C.

Par séquences qui présentent des homologies significatives, on inclut les séquences ayant une identité modérée ou importante de séquence nucléotidique avec l'une des séquences d'ADN ci-dessus et qui codent pour une protéine ayant la même fonction de facteur de transcription.

Par séquence d'ADN similaires, on entend ainsi des
 30 séquences d'ADN qui peuvent appartenir à d'autres mycètes que *Candida albicans* et notamment à SC, et qui sont similaires ou identiques à la séquence d'ADN du gène de *Candida albicans* CatfIIIA. Ces séquences d'ADN similaires ne sont pas forcément identiques à la séquence d'ADN du gène de *Candida albicans* CatfIIIA. L'homologie de séquence au niveau
 35 nucléotidique peut-être modérée ou importante. La présente invention concerne ainsi notamment les séquences d'ADN qui présentent une homologie de séquence nucléotidique d'au moins

50 %, de façon préférée d'au moins 60 % et de façon encore plus préférée d'au moins 70 % avec la séquence CATfIIIA de la présente invention.

De plus, ces séquences d'ADN similaires ne codent pas
5 forcément pour des protéines identiques, au niveau de la séquence en acides aminés, à la protéine codée par le gène CATfIIIA. Ainsi la présente invention concerne notamment les séquences d'ADN qui codent pour des protéines dites homologues ayant une homologie de séquence en acides aminés
10 d'au moins 40 %, notamment 45%, de façon préférée au moins de 50 %, de façon plus préférée au moins de 60 % et de façon encore plus préférée au moins de 70 % avec la protéine codée par CATfIIIA de la présente invention.

Le gène de la présente invention est représenté comme
15 une séquence ADN simple brin comme indiqué dans SEQ ID N°1 mais il est entendu que la présente invention inclut la séquence ADN complémentaire de cette séquence ADN simple brin et inclut également la séquence ADN dite double brin constituée de ces deux séquences ADN complémentaires d'une de
20 l'autre.

La séquence d'ADN telle que définie ci-dessus est un exemple de combinaison de codons codant pour les acides aminés correspondant à la séquence d'acides aminés SEQ ID N°3, mais il est entendu également que la présente invention
25 inclut toute autre combinaison arbitraire de codons codant pour cette même séquence d'acides aminés SEQ ID N°3.

Pour la préparation des polynucléotides et notamment des séquences d'ADN telles que définies ci-dessus, des séquences d'ADN modifiées comme indiqué ci-dessus ou encore des
30 séquences d'ADN homologues telles que définies ci-dessus, on peut utiliser les techniques connues de l'homme du métier et notamment celles décrites dans l'ouvrage de Sambrook, J. Fritsh, E. F. & Maniatis, T. (1989) intitulé: 'Molecular cloning : a laboratory manual', Laboratory, Cold Spring
35 Harbor NY.

Les séquences d'ADN homologues telles que définies ci-dessus peuvent notamment être isolées selon les méthodes connues de l'homme du métier par exemple par la technique de PCR en

utilisant des amorces nucléotidiques dégénérées pour amplifier ces ADN à partir de banques génomiques ou de banques d'ADNc des mycètes correspondants. Les ADNc peuvent également être préparés à partir de mARN isolés de mycètes d'espèces différentes étudiées dans le cadre de la présente invention telles que *Candida albicans* mais par exemple et tout aussi bien : *Candida stellatoidea*, *Candida tropicalis*, *Candida parapsilosis*, *Candida krusei*, *Candida pseudotropicalis*, *Candida guilliermondii*, *Candida glabrata*, *Candida lusitanae* ou *Candida rugosa* ou encore des mycètes telles que *Saccharomyces cerevisiae* ou encore des mycètes du type *Aspergillus* ou *Cryptococcus* et notamment, par exemple, *Aspergillus fumigatus*, *Coccidioides immitis*, *Cryptococcus neoformans*, *Histoplasma capsulatum*, *Blastomyces dermatitidis*, *Paracoccidioides brasiliensis* and *Sporothrix schenckii* ou encore des mycètes des classes des phycomycètes ou eumycètes en particulier les sous-classes de basidiomycètes, ascomycètes, méhiascomycétales (levure) and plectascales, gymnascales (champignon de la peau et des cheveux) ou de la classe des hyphomycètes, notamment les sous-classes conidiosporales and thallosporales parmi lesquels les espèces suivantes : *mucor*, *rhizopus*, *coccidioides*, *paracoccidioides* (*blastomyces*, *brasiliensis*), *endomyces* (*blastomyces*), *aspergillus*, *menicium* (*scopulariopsis*), *trichophyton* (*ctenomyces*), *epidermophyton*, *microsporon*, *pieiraia*, *hormodendron*, *phialophora*, *sporotrichon*, *cryptococcus*, *candida*, *geotrichum*, *trichosporon* ou encore *toropsulosis*.

Les polynucléotides de la présente invention peuvent ainsi être obtenus en utilisant les méthodes usuelles de clonage et de criblage telles que celles de clonage et séquençage à partir de fragments d'ADN chromosomique extraits de cellules. Par exemple, pour obtenir les polynucléotides de la présente invention, on peut partir d'une banque de fragments d'ADN chromosomique. On peut préparer une sonde correspondant à un oligonucléotide marqué par un élément radioactif, constituée de préférence de 17 nucléotides ou plus et dérivée d'une séquence partielle. Les clones contenant un ADN identique à celui de la sonde peuvent être

ainsi identifiés sous des conditions stringentes. Par le séquençage de clones individuels ainsi identifiés, en utilisant des primers de séquençage issus de la séquence d'origine, il est alors possible de prolonger la séquence

5 dans les deux directions pour déterminer la séquence du gène complet. De façon usuelle et efficace, un tel séquençage peut être réalisé en utilisant un ADN double brin dénaturé préparé à partir d'un plasmide. De telles techniques sont décrites par Maniatis, T. Fritsch, E.F. et Sambrook comme indiqué ci-

10 dessus. (Laboratory Manual, Cold Spring Harbor, New York (1989) (notamment en 1.90 et 13.70 dans les chapitres de screening par hybridation et séquençage à partir de ADN double brin dénaturé).

Dans le cadre de la présente invention, on pourrait

15 notamment utiliser une banque de fragments d'ADN chromosomique de *Candida albicans* comme indiqué ci-après à l'exemple 1 dans la partie expérimentale.

Une description détaillée des conditions opératoires dans lesquelles a été réalisée la présente invention est

20 donnée ci-après.

L'invention a tout particulièrement pour objet le polypeptide ayant la fonction de facteur de transcription CATFIIIA et ayant la séquence d'acides aminés SEQ ID N°3 codée par la séquence d'ADN telle que définie ci-dessus et

25 les analogues de ce polypeptide.

Par analogues de polypeptides, on entend les polypeptides dont la séquence d'acides aminés a été modifiée par substitution, suppression ou addition d'un ou plusieurs acides aminés mais qui conservent la même fonction biologique. De

30 tels polypeptides analogues peuvent être produits spontanément ou peuvent être produits par modification post-transcriptionnelle ou encore par modification de la séquence ADN de la présente invention comme indiqué ci-dessus, en utilisant les techniques connues de l'homme du métier : parmi

35 ces techniques, on peut citer notamment la technique de mutagénèse dirigée connue de l'homme du métier (Kramer, W., et al., Nucl. Acids Res., 12, 9441 (1984) ; Kramer, W. and Fritz, H.J. , Methods in Enzymology, 154, 350 (1987) ;

Zoller, M.J. and Smith, M. Methods in Enzymology, 100,468 (1983)).

La synthèse d'ADN modifiés peut être faite comme indiqué ci-dessus et notamment en utilisant des techniques de synthèse chimique bien connues telles que par exemple la méthode au phosphotriester [Letsinger, R.L and Ogilvie, K.K., K. Am. CHEM. Soc., 91,3350 (1969) ; Merrifield, R.B., Sciences, 150, 178 (1968)] ou la méthode à la phosphoamidite [Beaucage, S.L and Caruthers, M .H., Tetrahedron Lett., 22, 1859 (1981) ;
10 McBRIDE, L.J. and Caruthers, M.H. Tetrahedron Lett., 24 245 (1983)] ou encore par la combinaison de ces méthodes.

Les polypeptides de la présente invention peuvent donc être préparés par les techniques connues de l'homme du métier, notamment partiellement par synthèse chimique ou
15 encore par la technique de l'ADN recombinant par expression dans une cellule hôte procaryote ou eucaryote comme indiqué ci-après.

La présente invention a particulièrement pour objet le procédé de préparation de la protéine recombinante CATFIIIA
20 ayant la séquence d'acides aminés SEQ ID N°3 comprenant l'expression de la séquence d'ADN telle que définie ci-dessus dans un hôte approprié puis l'isolement et la purification de ladite protéine recombinante.

Pour produire le polypeptide de la présente invention,
25 on peut notamment utiliser les techniques de l'ADN recombinant en utilisant les méthodes de génie génétique et de culture cellulaire connues de l'homme du métier. On peut ainsi procéder par les étapes suivantes : d'abord préparation du gène approprié, puis incorporation de ce gène dans un
30 vecteur, transfert du vecteur porteur du gène dans une cellule hôte appropriée, production du polypeptide par expression du gène, isolement du polypeptide, le polypeptide ainsi produit pouvant être ensuite purifié.

Les polypeptides de la présente invention obtenus par
35 l'expression des polynucléotides de la présente invention peuvent être purifiés à partir de cultures de cellules transformées par les méthodes bien connues de l'homme du métier telles que précipitation au sulfate d'ammonium ou à

l'éthanol, extraction en conditions acides, chromatographie échangeuse d'anions ou de cations, chromatographie d'interaction hydrophobique, chromatographie d'affinité, chromatographie à l'hydroxylapatite et la chromatographie à haute performance liquide (HPLC). Des techniques bien connues de l'homme du métier peuvent être utilisées pour régénérer la protéine lorsque celle-ci est dénaturée durant son isolement ou sa purification.

Les séquences d'ADN selon la présente invention et notamment SEQ ID N°1 et SEQ ID N°2 peuvent être préparées selon les techniques connues de l'homme du métier notamment par synthèse chimique ou par criblage d'une banque génomique ou d'une banque d'ADNc à l'aide de sondes d'oligonucléotides de synthèse par les techniques connues d'hybridation, ainsi amplification d'ADN à partir de fragments isolés ou encore par réverse transcriptase à partir d'ARN messenger (ARNm). L'avantage de la technique comprenant d'abord l'isolement d'ARNm par extraction des ARN totaux puis la synthèse d'ADNc à partir de ces ARNm par réverse transcriptase réside notamment dans le fait que l'ARNm ne contient pas les introns alors que ces séquences non codantes sont présentes dans l'ADN génomique.

On peut procéder en utilisant les techniques usuelles de clonage connues de l'homme du métier et notamment décrites dans l'ouvrage de Sambrook, J. Fritsh, E. F. § Maniatis, T. (1989) intitulé: 'Molecular cloning : a laboratory manual', Laboratory, Cold Spring Harbor NY.

Dans ces techniques, on peut procéder au clonage par insertion de fragment dans un plasmide qui peut être fourni avec un kit commercial adapté puis transformation d'une souche bactérienne par le plasmide ainsi obtenu. On peut utiliser notamment la souche E. coli XL1 Blue ou DH5 alpha. Les clones peuvent ensuite être cultivés pour extraire l'ADN plasmidique selon les techniques classiques de l'homme du métier référencées ci-dessus (Sambrook, Fritsh et Maniatis). On peut procéder au séquençage de l'ADN du fragment amplifié contenu dans l'ADN plasmidique.

Les polypeptides de la présente invention peuvent être

obtenus par expression dans une cellule hôte contenant un polynucléotide selon la présente invention et notamment une séquence d'ADN codant pour un polypeptide de la présente invention précédée d'une séquence promoteur convenable. La
5 cellule hôte peut être une cellule procaryote, par exemple E. coli ou une cellule eucaryote telle que les levures comme par exemple les ascomycètes parmi lesquels les saccharomyces ou encore des cellules de mammifères comme par exemple des cellule Cos.

10 La présente invention a particulièrement pour objet le vecteur d'expression contenant une séquence d'ADN telle que définie ci-dessus.

Dans le vecteur d'expression, une telle séquence d'ADN est donc ainsi notamment la séquence d'ADN du gène CATfIIIA
15 codant pour une protéine ayant la fonction biologique du facteur de transcription de Candida albicans CATfIIIA et contenant la séquence de nucléotides SEQ ID N°1 .

Dans le vecteur d'expression, une telle séquence d'ADN est ainsi plus particulièrement la séquence d'ADN commençant au
20 nucléotide 720 et se terminant au nucléotide 1955 de SEQ ID N°1.

Dans le vecteur d'expression, une telle séquence d'ADN est ainsi encore plus particulièrement celle du gène CATfIIIA tel que défini ci-dessus codant pour la séquence d'acides aminés
25 SEQ ID N°3.

Dans le vecteur d'expression, une telle séquence d'ADN est ainsi une séquence d'ADN telle que définie ci-dessus codant pour le facteur de transcription CATfIIIA ainsi que les séquences d'ADN qui hybrident avec celle-ci et/ou présentent
30 des homologies significatives avec cette séquence ou des fragments de celle-ci ou encore les séquences d'ADN comprenant des modifications introduites par suppression, insertion et/ou substitution d'au moins un nucléotide codant pour une protéine ayant la même activité biologique que le
35 facteur de transcription CATfIIIA.

Dans le vecteur d'expression, une telle séquence d'ADN est notamment une séquence d'ADN telle que définie ci-dessus ainsi que les séquences d'ADN similaires qui ont une

homologie de séquence nucléotidique d'au moins 50 % ou au moins 60 % et de préférence au moins 70 % avec ladite séquence d'ADN ou encore les séquences d'ADN similaires qui codent pour une protéine dont la séquence en AA a une

5 homologie d'au moins 40 % et notamment de 45 % ou d'au moins 50 %, plutôt au moins 60 % et de préférence au moins 70 % avec la séquence en AA codée par ladite séquence d'ADN.

Les vecteurs d'expression sont des vecteurs permettant l'expression de la protéine sous le contrôle d'un promoteur

10 convenable. Un tel vecteur peut être un plasmide, un cosmide ou un ADN viral. Pour les cellules procaryotes, le promoteur peut être par exemple le promoteur lac, le promoteur trp, le promoteur tac, le promoteur β -lactamase ou le promoteur PL.

Pour les cellules de levure, le promoteur peut être par

15 exemple le promoteur PGK ou le promoteur GAL. Pour les cellules de mammifères, le promoteur peut être par exemple le promoteur SV40 ou les promoteurs de l'adénovirus.

Des vecteurs type Baculovirus peuvent être aussi utilisés pour l'expression dans des cellules d'insectes.

20 Les cellules hôtes sont par exemple des cellules procaryotes ou des cellules eucaryotes. Les cellules procaryotes sont par exemple E. coli, Bacillus ou Streptomyces. Les cellules hôtes eucaryotes comprennent des levures ainsi que des cellules d'organismes supérieurs, par exemple des cellules de mammi-

25 fères ou des cellules d'insectes. Les cellules de mammifères sont par exemple des fibroblastes tels que des cellules CHO ou BHK de hamster et des cellules Cos de singe. Les cellules d'insectes sont par exemple des cellules SF9.

La présente invention concerne donc un procédé qui

30 comprend l'expression d'un polynucléotide selon la présente invention codant pour la protéine CATFIIIA dans une cellule hôte transformée par un polynucléotide selon la présente invention et notamment une séquence d'ADN codant pour la séquence en acides aminés SEQ ID N°3. Dans la réalisation

35 d'un tel procédé, la cellule hôte est notamment une cellule eucaryote.

Pour la réalisation de la présente invention, les vecteurs utilisés peuvent être par exemple pGEX ou pBAD et la cellule

hôte peut être E. coli ou par exemple le vecteur pYX222 et la cellule hôte peut être notamment *Saccharomyces cerevisiae*.

La présente invention a notamment pour objet la cellule hôte transformée avec un vecteur tel que défini ci-dessus et
5 renfermant une séquence d'ADN selon la présente invention.

La présente invention a ainsi pour objet le procédé de préparation d'une protéine recombinante selon la présente invention, tel que défini ci-dessus, dans lequel la cellule hôte est E. coli DH5 alpha ou E. coli XL1-Blue ou notamment
10 *Saccharomyces cerevisiae*.

Un exposé détaillé des conditions dans lesquelles peuvent être menées les opérations indiquées ci-dessus est donné ci-après dans la partie expérimentale. On a ainsi obtenu un plasmide dans lequel est inséré le gène de la présente
15 invention et on obtient ainsi également ce plasmide introduit dans une cellule hôte en opérant selon les techniques usuelles connues de l'homme du métier.

La présente invention a très précisément pour objet le plasmide déposé à la CNCM sous le numéro I-2072.

20 Il s'agit ainsi précisément de la souche XL1-Blue/Yep24-Catfc2 renfermant le gène CATfIIIA selon la présente invention.

Ce gène correspond donc à la séquence 720-1955 de SEQ ID N°1.

25 Les conditions opératoires dans lesquelles a été réalisée la présente invention sont décrites ci-après dans la partie expérimentale.

La protéine TFIIIA codée par le gène CATfIIIA est donc un facteur de transcription. En effet, la protéine TFIIIA
30 codée par le gène de la présente invention a un rôle biologique comme protéine se liant à l'ADN et serait utile comme facteur de transcription.

En particulier, le gène de la présente invention est exprimé dans différents tissus et joue un rôle important dans
35 l'initiation de la transcription du gène de l'ARN ribosomal 5S.

L'étude de ces facteurs peut également être utile dans l'analyse des mécanismes de régulation de la transcription.

La présente invention a ainsi pour objet un procédé de criblage de produits antifongiques caractérisé en ce qu'il comprend une étape où l'on mesure l'activité de facteur de transcription de CATFIIIA tel que défini ci-dessus en

5 présence de chacun des produits dont on souhaite déterminer les propriétés antifongiques et l'on sélectionne les produits ayant un effet inhibiteur sur cette activité.

La mise en évidence dans le cadre de la présente invention de l'homologie fonctionnelle des facteurs de

10 transcription de *Candida albicans* et *Saccharomyces cerevisiae*, illustrée dans la partie expérimentale ci-après, permet d'envisager de nombreuses applications pour le facteur de transcription CATFIIIA de la présente invention.

En particulier du fait qu'il apparaît que l'activité de

15 SCTFIIIA est essentielle pour la survie cellulaire, des substances inhibitrices de cette activité peuvent être utilisables comme agents antifongiques, soit en tant que médicaments soit sur le plan industriel.

Par exemple, pour cribler des substances antifongiques telles

20 que des substances actives sur *Candida albicans*, on mesure l'activité de CATFIIIA ou de l'un de ses homologues fonctionnels constitué par un facteur de transcription TFIIIA en présence de chacun des produits dont on souhaite déterminer les propriétés antifongiques et l'on sélectionne

25 les produits ayant un effet inhibiteur sur cette activité.

On peut effectuer un tel criblage en mesurant l'activité de transcription de TFIIIA en présence d'activateurs ou d'inhibiteurs potentiels à tester. La transcription de l'ARN 5S peut par exemple être mesurée in vitro directement en

30 détectant la synthèse de l'ARN 5S dans un milieu réactionnel approprié.

L'activité de transcription peut également être mesurée in vivo par un test de viabilité cellulaire. Par exemple, l'activité de transcription peut être avantageusement mesurée

35 dans des cellules d'un mutant de *Saccharomyces cerevisiae* n'exprimant pas TFIIIA de SC transformées par le gène CATfIIIA.

L'invention englobe également l'utilisation d'un produit

sélectionné comme indiqué ci-dessus pour ses propriétés inhibitrices d'un facteur de transcription TFIIIA pour l'obtention d'un agent antifongique.

La présente invention sera mieux comprise à l'aide de la
5 partie expérimentale qui suit et qui décrit le clonage du gène CATfIIIA de la présente invention.

La présente invention a ainsi pour objet l'utilisation d'un produit sélectionné par le procédé de criblage de produits antifongiques tel que défini ci-dessus pour
10 l'obtention d'un agent antifongique.

La présente invention a également pour objet l'utilisation du gène du facteur de transcription CATfIIIA de *Candida albicans* ou du facteur de transcription codé par ce gène tel que défini ci-dessus pour la sélection d'un produit
15 ayant des propriétés antifongiques tel que défini ci-dessus et utilisé comme inhibiteur du facteur de transcription de *Candida albicans*.

La présente invention a également pour objet les compositions pharmaceutiques renfermant à titre de principe
20 actif au moins un inhibiteur du facteur de transcription de *Candida albicans* telles que définies ci-dessus.
De telles compositions peuvent notamment être utiles pour traiter les infections fongiques topiques et systémiques.
Les compositions pharmaceutiques indiquées ci-dessus peuvent
25 être administrées par voie buccale, rectale, par voie parentérale ou par voie locale en application topique sur la peau et les muqueuses ou par injection par voie intraveineuse ou intramusculaire. Ces compositions peuvent être solides ou liquides et se présenter sous toutes les formes pharmaceutiques couramment utilisées en médecine humaine comme, par
30 exemple, les comprimés simples ou dragéifiés, les gélules, les granulés, les suppositoires, les préparations injectables, les pommades, les crèmes, les gels et les préparations en aérosols ; elles sont préparées selon les
35 méthodes usuelles. Le principe actif peut y être incorporé à des excipients habituellement employés dans ces compositions pharmaceutiques, tels que le talc, la gomme arabique, le lactose, l'amidon, le stéarate de magnésium, le beurre de

cacao, les véhicules aqueux ou non, les corps gras d'origine animale ou végétale, les dérivés paraffiniques, les glycols, les divers agents mouillants, dispersants ou émulsifiants, les conservateurs.

5 La posologie sera variable selon le produit utilisé, le sujet traité et l'affection en cause.

La présente invention a ainsi notamment pour objet l'utilisation des compositions telles que définies ci-dessus comme agents antifongiques.

10 La présente invention a encore pour objet une méthode d'induction d'une réponse immunologique chez un mammifère comprenant l'inoculation à ce mammifère du polypeptide selon la présente invention tel que défini ci-dessus ou un fragment de ce polypeptide ayant la même fonction de façon à produire
15 un anticorps permettant de protéger l'animal contre la maladie.

La présente invention a ainsi pour objet des anticorps dirigés contre les polypeptides de la présente invention tels que définis ci-dessus ayant la fonction de facteur de trans-
20 cription CATFIIIA ou contre un fragment de ces polypeptides ayant la même fonction et codés par les polynucléotides de la présente invention et notamment par une séquence d'ADN telle que définie ci-dessus.

Les polypeptides de la présente invention peuvent ainsi être
25 utilisés comme immunogènes pour produire des anticorps immunospécifiques de ces polypeptides. Le terme anticorps utilisé désigne les anticorps aussi bien monoclonaux que polyclonaux, chimériques, simple chaîne, les anticorps non humains et les anticorps humains, aussi bien que les
30 fragments Fab, incluant ainsi les produits d'une banque d'immunoglobuline Fab. Les anticorps générés contre les polypeptides de la présente invention peuvent être obtenus par administration des polypeptides de la présente invention ou de fragments portant des épitopes, leurs analogues ou
35 encore des cellules à un animal, de préférence non humain, en utilisant des protocoles de routine pour la préparation d'anticorps monoclonaux. De tels anticorps peuvent être préparés par les méthodes bien connues dans ce domaine telles

que celles décrites dans l'ouvrage Antibodies, Laboratory manuel Ed. Harbow et David Larre, Cold Spring Harbor laboratory Eds, 1988.

La présente invention a ainsi tout particulièrement pour
5 objet un anticorps dirigé contre la protéine CATFIIIA de la présente invention ou un fragment de cette protéine ayant notamment la même fonction.

La présente invention a encore pour objet l'utilisation du gène du facteur de transcription CATfIIIA ou du facteur de
10 transcription codé par ce gène tel que défini ci-dessus pour la préparation de compositions utiles pour le diagnostic ou le traitement de maladies causées par la levure pathogène Candida albicans.

La présente invention concerne aussi l'utilisation des
15 polynucléotides de la présente invention comme réactifs de diagnostic. La détection d'un polynucléotide selon la présente invention codant pour la protéine TFIIIA de Candida albicans ou de ses analogues chez un eucaryote en particulier un mammifère et plus particulièrement un être humain, peut
20 constituer un moyen de diagnostic d'une maladie : ainsi, on peut détecter un tel polynucléotide selon la présente invention et notamment une séquence d'ADN par une grande variété de techniques chez un eucaryote en particulier un mammifère et plus particulièrement un être humain, infectés
25 par un organisme contenant au moins l'un des polynucléotides de la présente invention. Les acides nucléiques pour une telle utilisation d'outil de diagnostic peuvent être détectés à partir de cellules ou de tissus infectés, tels que l'os, le sang, le muscle, le cartilage ou la peau. Pour cette
30 détection, l'ADN génomique peut être utilisé directement ou encore être amplifié par PCR ou une autre technique d'amplification. Les ARN ou ADN et ADNc peuvent également être utilisés dans le même but. Par les techniques d'amplification, la lignée du mycète présent dans un
35 eucaryote en particulier un mammifère et plus particulièrement un être humain, peut être caractérisée par l'analyse du génotype. Des délétions ou des insertions peuvent être détectées par le changement de taille du produit amplifié par

comparaison avec le génotype de la séquence de référence. Les points de mutations peuvent être identifiés par hybridation de l'ADN amplifié avec les séquences, marquées par un élément radioactif, de polynucléotides de la présente invention. Des

5 séquences parfaitement complémentaires peuvent ainsi être distinguées de duplex qui résistent mal à la digestion par des nucléases. Les différences de séquences d'ADN peuvent aussi être détectées par des altérations de la mobilité électrophorétique de fragments d'ADN dans des gels, avec ou

10 sans agent dénaturant, ou par un séquençage direct d'ADN (référence : Myers et al. Science, 230 : 1242 (1985)).

Des changements de séquences à des localisations spécifiques peuvent aussi être révélées par des expériences de protection contre des nucléases telles que RNase I et S1 ou par des

15 méthodes de clivage chimique (référence : Cotton et al., Proc Natl Acad Sci, USA, 85 : 4397-4401 (1985)).

Des cellules contenant l'un des polynucléotides de la présente invention portant des mutations ou des polymorphismes peuvent aussi être détectées par un grand nombre de

20 techniques permettant notamment de déterminer le sérotype. Par exemple, la technique RT-PCR peut être utilisée pour détecter les mutations. Il est particulièrement préféré d'utiliser les techniques de RT-PCR en conjonction avec des systèmes de détection automatique, tels que par exemple dans

25 la technique GeneScan. ARN et ADNC peuvent être utilisés dans les techniques PCR ou RT-PCR. Par exemple, des amorces complémentaires des polynucléotides codant pour les polypeptides de la présente invention peuvent être utilisés pour identifier et analyser les mutations.

30 Des amorces peuvent ainsi être utilisées pour amplifier un ADN isolé de l'individu infecté. De cette façon des mutations dans la séquence d'ADN peuvent être détectées et utilisées pour diagnostiquer l'infection et déterminer le sérotype ou le classement de l'agent infectieux. De telles techniques

35 sont usuelles pour l'homme du métier et sont décrites notamment dans le manuel `Current Protocols in Molecular Biology, Ausubel et al, ed. John Wiley & sons, Inc., 1995).

La présente invention concerne ainsi un procédé de

diagnostic d'une maladie et de préférence d'une infection fongique provoquée notamment par *Candida albicans* telles que des mycoses comme indiqué ci-dessus, ce procédé comprenant la détermination à partir d'un échantillon prélevé sur un

5 individu infecté, d'une augmentation de la quantité de polynucléotide de la présente invention. Un tel polynucléotide peut notamment avoir une séquence d'ADN de la présente invention telle que définie ci-dessus.

Des augmentations ou des diminutions de la quantité de

10 polynucléotides peuvent être mesurées par les techniques bien connues de l'homme du métier telles que notamment l'amplification, la PCR, RT PCR, Northern blotting ou autres techniques d'hybridation.

De plus, une méthode de diagnostic en accord avec la présente

15 invention consiste en la détection d'une expression trop importante de polypeptides de la présente invention, par comparaison avec des échantillons de contrôle constitués de tissus normaux non infectés utilisés pour détecter la présence d'une infection.

20 Les techniques qui peuvent être utilisées pour détecter ainsi les quantités de protéines exprimées dans un échantillon d'une cellule hôte sont bien connues de l'homme du métier. On peut ainsi citer par exemple les techniques de radioimmunoassay ou de competitive-binding, analyse par Western Blot

25 et test ELISA (ref Ausubel indiqué ci-dessus).

La présente invention a encore pour objet un kit pour le diagnostic d'infections fongiques comprenant une séquence d'ADN selon la présente invention telle que définie ci-dessus ou une séquence similaire ou un fragment de cette séquence,

30 le polypeptide codé par cette séquence ou un fragment polypeptidique ayant la même fonction ou un anticorps dirigé contre un tel polypeptide codé par cette séquence d'ADN ou contre un fragment de ce polypeptide.

Ce kit pourra ainsi contenir une séquence d'ADN selon la

35 présente invention telle que définie ci-dessus et par exemple la séquence d'ADN SEQ ID N°1 ou un fragment de cette séquence ou encore la séquence 720 à 1955 de SEQ ID N°1.

Un tel kit pourra de même contenir un polypeptide selon la

présente invention ou un fragment de ce polypeptide et notamment la protéine ayant la séquence en AA SEQ ID N°3 ou encore un anticorps tel que défini ci-dessus.

Un tel kit peut-être préparé selon les méthodes bien connues
5 de l'homme du métier.

Les séquences SEQ ID NO 1 à 9 indiquées dans la présente invention sont décrites ci-après.

La partie expérimentale ci-après permet de décrire la présente invention sans toutefois la limiter.

10 Partie expérimentale

Exemple 1 : Clonage et séquençage du gène CATfIIIA

a) Conditions de culture :

La bactérie Escherichia coli (E. coli) de la lignée DH5 alpha (Gibco BRL) ou XL1- Blue type K12 (Stratagène) a été
15 utilisée pour la préparation des plasmides de la présente invention.

La croissance de cette bactérie a été effectuée selon les conditions usuelles en milieu liquide LB qui renferme 10g de bactotryptone, 5g d'extrait de levure et 10 g de NaCl pour un
20 litre d'eau et qui renferme également 100 microg/ml d'ampicilline (SIGMA).

La colonie a été prélevée sur milieu solide LB + agar + ampicilline puis cultivée dans 100 ml de milieu LB et incubée jusqu'à DO (600nm) = 0.8.

25 L'incubation a été effectuée à 37°C sous atmosphère normale et agitation à 225 rpm.

La viabilité de la souche est vérifiée lorsque la souche pousse sur milieu LB + ampicilline à 100 microg/ml.

On peut noter qu'un gène de résistance à l'ampicilline Bla
30 fait partie du vecteur dans lequel sont clonés les fragments de CATfIIIA. Ainsi, la sélection des souches renfermant les plasmides contenant le gène tfIIIA de Candida albicans de la présente invention peut être opérée par la culture des souches dans ce milieu renfermant de l'ampicilline (100
35 microg/ml), un tel milieu permettant la survie uniquement des souches qui renferment le gène de résistance à l'ampicilline et ainsi uniquement des souches qui renferment le gène tfIIIA de Candida a. de la présente invention.

Pour la conservation des souches obtenues, 15 % de glycérol sont ajoutés au milieu de culture : les cultures sont donc conservées dans le milieu de suspension LB +100 microgrammes/ml d'ampicilline + 15 % de glycérol à la concentration bactérienne de DO (600nm = 0.8 sous forme d'aliquots en cryotubes de 1ml par tube.

Pour le séquençage, l'ADN plasmidique de plusieurs bactéries issues de chacun des clonages indiqués ci-après est préparé en utilisant un kit commercial (Qiagen Plasmids kit). Les fragments correspondant à la séquence du gène CATfIIIA sont séquencés sur les deux brins suivant les techniques classiques connues de l'homme du métier (utilisation du séquenceur ABI 377 XL, Perkin Elmer).

b) Clonage et séquençage du gène CATfIIIA

Dans le cadre de la présente invention, le gène codant pour le facteur de transcription de CA soit SEQ ID N°1 représenté à la figure 1 a été isolé à partir de la banque de fragment génomique de *Candida albicans*. (Sanglard et al., Antimicrobial agents and chemotherapy 39, 2378-2386, (1995)).

La structure du gène a été identifiée par séquençage. La stratégie utilisée repose sur l'hypothèse que SC et CA sont des levures proches dont la structure des gènes peut être homologue.

On a procédé comme suit :

Dans le cadre de la présente invention, en utilisant le site internet de Standford qui permet d'accéder aux séquences préliminaires du génome de *Candida albicans*, une fraction de séquence homologue à tfIIIA de *S. cerevisiae* a été identifiée. Ce fragment contient un cadre ouvert de lecture (258 pb) codant pour une protéine pour laquelle on peut identifier deux motifs en doigts de zinc et une région riche en résidus sérine caractéristique du facteur TFIIIA de SC. Ce cadre ouvert de lecture contient en réalité 259 nucléotides. Afin d'amplifier le fragment correspondant de *Candida albicans*, deux oligonucléotides ont été sélectionnés dans cette séquence. Ces oligonucléotides sont les suivants : INT CAND situé à la position 720-740 de SEQ ID N°1 et nommé SEQ ID N°4 et

3' CAND situé à la position 955-978 de SEQ ID N°1 et nommé SEQ ID N°5.

On a ainsi obtenu un fragment de 259 paires de bases.

Il a d'abord été confirmé par PCR qu'il est possible

5 d'amplifier un fragment d'ADN génomique de CA, préparé à partir de cellules de CA par les méthodes usuelles connues de l'homme du métier, et d'autre part dans la banque de gènes de CA. Ces oligonucléotides ont aussi permis de synthétiser un fragment d'ADN à partir d'ADN génomique de *Candida albicans*
10 afin de préparer une sonde marquée au 32P (phosphore 32) en utilisant un kit (Mega Prime, Amersham).

Ce fragment a été utilisé pour le criblage de la banque de fragments génomiques Sau 3A de *Candida albicans* clonés dans le site BamHI du vecteur YEp24 (multicopie-Ura3) [Botstein et
15 al., *Gene*, **8**, 17-24, (1979)].

Les cellules *E. coli* DH5 alpha transformées avec le vecteur YEp24 (vecteur multicopie avec gène de sélection URA3) contenant les fragments décrits ci-dessus (17000 clones) sont étalées sur des boîtes contenant un milieu LB + ampicilline
20 et cultivées à 37°C.

Une réplique sur filtre de nitrocellulose est ensuite traitée par des techniques connues de l'homme du métier comme par exemple NaOH : 0,5M, 5 minutes ; Tris-HCl : 1M (pH = 7,5) 5 minutes ; NaCl 1,5M/Tris-HCl 0,5M (pH 7,5).

25 Pour le séchage, les filtres sont gardés pendant 10 minutes à 80°C puis fixés aux UV (Stratalinker). Préhybridation et hybridation sont réalisées dans un tampon de NaPO4 (pH 7,2) 0,5M ; EDTA 10mM ; SDS 7 % (réf., Church et Gilbert, *PNAS* **81** : 1991 (1984)).

30 La sonde est marquée au 32P avec le kit MegaPrime et(alpha 32P)dCTP (Amersham UK). L'hybridation est réalisée pendant toute la nuit à 65°C. Les filtres sont ensuite lavés dans 1 % SDS, 40 mM NaPO4 (pH 7,2), six fois pendant 5 minutes à 65°C et ils sont ensuite soumis à une autoradiographie pendant
35 toute la nuit.

L'hybridation sur filtre avec la sonde marquée au 32P a permis de sélectionner plusieurs clones positifs qui ont été réensemencés sur boîtes afin de les isoler. Des clones

On a ainsi obtenu trois types de clones que l'on nomme 9, 18 et 47 contenant trois inserts différents du gène CATfIIIA de la présente invention : l'analyse par PCR a confirmé la présence du fragment de 259 pb.

- 5 Les plasmides YEp24 contenant des inserts de *Candida albicans* ont été récupérés à partir de ces colonies. La carte de restriction de chacun de ces plasmides a été établie, et a permis de constater que tous les inserts provenaient d'une même région du génome de *Candida albicans*. Pour le séquençage
- 10 de cette région on a utilisé les oligonucléotides suivants :
INT-Cand situé à la position : 720-740 de SEQ ID N°1 et nommé SEQ ID N°4
3'-Cand situé à la position : 955-978 de SEQ ID N°1 et nommé SEQ ID N°5
- 15 Cont-Int situé à la position : 719-741 de SEQ ID N°1 et nommé SEQ ID N°6
Can-Kor1 situé à la position 1365-1389 de SEQ ID N°1 et nommé SEQ ID N°7
et le séquenceur ABI 377 XL (Perkin Elmer). Le séquençage de
- 20 cette région a permis de mettre en évidence les points suivants :
1) Les trois clones contiennent tous seulement un cadre de lecture ouvert, ininterrompu de 1236 pb avec la même séquence qui code pour une protéine.
- 25 2) Le cadre de lecture ouvert code pour une protéine de 412 AA qui montre une homologie importante avec le facteur TFIIIA de *Saccharomyces cerevisiae*. L'analyse de la protéine permet de retrouver les 9 motifs en doigt de zinc qui sont caractéristiques du facteur de transcription TFIIIA. La
- 30 comparaison des séquences protéique de CATfIIIA et TFIIIA de SC, permet de mettre en évidence une similarité de 50 % et une identité de 45 %. Pour la traduction en acides aminés il a été tenu compte du fait que dans *Candida albicans* le codon CTG est traduit en sérine et qu'il y a 2 codons CTG dans
- 35 *Candida albicans* TFIIIA.

On peut noter :

- La conservation de la région riche en Sérine dans la partie N-terminale

- la présence d'une très longue région intermédiaire entre les doigts de zinc 8 et 9 caractéristique de SC.

Les différences de séquence entre les protéines TFIIIA de SC et TFIIIA de *Candida albicans* se situent dans la partie C-

5 terminale en dehors des motifs en doigt de zinc.

Le plasmide YEp24 contenant la région promotrice et la séquence codante pour CATFIIIA a été transformé dans la souche *E. Coli* XL1 Blue puis déposé sous le numéro I-2072 à la CNCM, Institut Pasteur 25 rue de Docteur ROUX 75015 Paris,

10 le 15 septembre 1998.

Exemple 2 : expression du gène tfIIIA

Un fragment contenu dans le clone 9 a été amplifié par PCR en utilisant des amorces contenant les séquences reconnues par les enzymes de restriction EcoRI et XhoI et s'hybridant au

15 gène tfC2, les amorces sont les suivantes :

5-EcoTF situé à la position 720-732 de SEQ ID N°1 et nommé SEQ ID N°8 et

3'-XhoI situé à la position 1946-1960 de SEQ ID N°1 et nommé SEQ ID N°9.

20 On procède donc à une amplification par PCR de l'ADN génomique de la façon suivante :

0,5 microgrammes d'ADN du clone 9 sont ajoutés à 50 microlitres d'une solution réactionnelle contenant 200 nanogrammes/ml de chaque dNTP, les primers indiqués ci-

25 dessus à raison de 25 micromoles/l pour chacun, 2mM MgCl₂, 1 x Pfu Buffer, 5U Pfu polymérase (Perkin Elmer).

Le milieu réactionnel est soumis à 30 cycles PCR

correspondant chacun à 94°C pendant 30 secondes, puis à 60°C pendant 45 secondes puis à 72°C pendant 1 minute.

30 Le fragment contenant la séquence codante de CATFIIIA a été sous-cloné dans les vecteurs pYX122 (CEN, HIS 3) et pYX222 (2 micron, HIS3) (R et D System). Ce plasmide a été utilisé pour transformer des cellules de *Saccharomyces c. YWRI* (Mat alpha, can 1-100, his 3-11, leu 2-3, 112 trp 1-1, ura 3-1, 35 ade 2-1, tfC2 :: leu2 + pJA230), (Camier et al, Proc. Natl. Acad. Sci. 92 9338-9342, 1995).

La souche transformée selon les mêmes méthodes que celles indiquées ci-dessus permet l'expression du facteur de transcription TFIIIA de *Candida albicans* contenant un tag HA.

Conclusion

- 5 Les réalisations expérimentales indiquées ci-dessus montrent donc les points suivants :
- 1) Le gène du facteur TFIIIA de *Candida albicans* a été isolé dans trois clones 9, 18 et 47 obtenus comme indiqué ci-dessus à l'exemple 1 à partir de la banque de gènes de *Candida*
10 *albicans* en utilisant une technique d'hybridation. La structure de ce gène a été identifiée par séquençage.
 - 2) La protéine CATFIIIA du gène CATfIIIA obtenue à l'exemple 1 est constituée de 412 AA et montre une forte homologie avec le facteur TFIIIA de SC. Cette protéine contient une région
15 riche en résidus SER dans la partie N-terminale et 9 doigts de zinc dont la disposition est identique à celle de la protéine TFIIIA de SC.
 - 3) Le sous-clonage du gène du facteur TFIIIA de *Candida albicans* a été réalisé et le gène a été placé sous contrôle
20 d'un promoteur de SC.

REVENDEICATIONS

- 1) Polynucléotide isolé contenant une séquence nucléotidique choisie dans le groupe suivant:
 - 5 a) un polynucléotide ayant au moins 50 % ou au moins 60% et de préférence au moins 70 % d'identité avec un polynucléotide codant pour un polypeptide ayant la fonction de facteur de transcription et ayant une séquence en acides aminés homologue de la séquence SEQ ID N°3.
 - 10 b) un polynucléotide complémentaire du polynucléotide a) .
 - c) un polynucléotide comprenant au moins 15 bases consécutives du polynucléotide défini en a) et b) .
- 2) Polynucléotide selon la revendication 1 tel que ce polynucléotide est un ADN.
- 15 3) Polynucléotide selon la revendication 1 tel que ce polynucléotide est un ARN.
- 4) Polynucléotide tel que défini à la revendication 2 comprenant la séquence de nucléotides SEQ ID N°1
- 5) Séquence d'ADN telle que définie aux revendications 1, 2
- 20 et 4 caractérisée en ce que cette séquence d'ADN est celle du gène CATfIIIA codant pour une protéine ayant la fonction biologique du facteur de transcription de Candida Albicans CATfIIIA et contenant la séquence de nucléotides SEQ ID N01
- 6) Séquence d'ADN selon la revendication 5 ayant la séquence
- 25 commençant au nucléotide 720 et se terminant au nucléotide 1955 de SEQ ID N01.
- 7) Séquence d'ADN du gène CATfIIIA selon la revendication 5 ou 6 codant pour la séquence d'acides aminés SEQ ID N°3 (412 AA) .
- 30 8) Séquence d'ADN codant pour le facteur de transcription CATfIIIA selon les revendications 5 à 7 ainsi que les séquences d'ADN qui hybrident avec celle-ci et/ou présentent des homologies significatives avec cette séquence ou des fragments de celle-ci et ayant la même fonction.
- 35 9) Séquence d'ADN selon les revendications 5 à 8 comprenant des modifications introduites par suppression, insertion et/ou substitution d'au moins un nucléotide codant pour une

protéine ayant la même activité biologique que le facteur de transcription CATFIIIA.

10) Séquence d'ADN selon l'une des revendications 5 à 9 ainsi que les séquences d'ADN qui ont une homologie de séquence
5 nucléotidique d'au moins 50 % ou au moins 60 % et de préférence au moins 70 % avec ladite séquence d'ADN.

11) Séquence d'ADN selon l'une des revendications 5 à 10 ainsi que les séquences d'ADN qui codent pour une protéine de fonction similaire dont la séquence en AA a une homologie
10 d'au moins 40 % et notamment de 45 % ou d'au moins 50 %, plutôt au moins 60 % et de préférence au moins 70 % avec la séquence en AA codée par ladite séquence d'ADN.

12) Polypeptide ayant la fonction de facteur de transcription CATFIIIA et ayant la séquence d'acides aminés
15 SEQ ID N°3 codée par la séquence d'ADN selon l'une des revendications 5 à 11 et les analogues de ce polypeptide.

13) Procédé de préparation de la protéine recombinante CATFIIIA ayant la séquence d'acides aminés SEQ ID N°3 comprenant l'expression de la séquence d'ADN selon l'une
20 des revendications 5 à 11 dans un hôte approprié puis l'isolement et la purification de ladite protéine recombinante.

14) Vecteur d'expression contenant la séquence d'ADN selon l'une des revendications 5 à 11.

25 15) Cellule hôte transformée avec un vecteur selon la revendication 14.

16) Procédé tel que défini à la revendication 13 dans lequel la cellule hôte est E. coli DH5 alpha ou E. coli XL1-Blue.

17) Procédé tel que défini à la revendication 13 dans
30 laquelle la cellule hôte est Saccharomyces cerevisiae.

(18) Plasmide déposé à la CNCM sous le numéro I-2072.

19) Procédé de criblage de produits antifongiques caractérisé en ce qu'il comprend une étape où l'on mesure l'activité de facteur de transcription de CATFIIIA tel que défini à la
35 revendication 12 en présence de chacun des produits dont on souhaite déterminer les propriétés antifongiques et l'on

sélectionne les produits ayant un effet inhibiteur sur cette activité.

20) Utilisation d'un produit sélectionné par le procédé selon la revendication 19 pour l'obtention d'un agent antifongique.

5 21) Utilisation du gène du facteur de transcription CATfIIIA de *Candida albicans* ou du facteur de transcription codé par ce gène selon l'une des revendications 5 à 12 pour la sélection d'un produit ayant des propriétés antifongiques selon la revendication 19 comme inhibiteur du facteur de
10 transcription de *Candida albicans*.

22) Compositions pharmaceutiques renfermant à titre de principe actif au moins un inhibiteur du facteur de transcription de *Candida albicans* tel que défini à la revendication 21.

15 23) Utilisation des compositions telles que définies à la revendication 22 comme agents antifongiques.

24) Méthode d'induction d'une réponse immunologique chez un mammifère comprenant l'inoculation à ce mammifère du polypeptide tel que défini à la revendication 12 ou un
20 fragment de ce polypeptide ayant la même fonction de façon à produire un anticorps permettant de protéger l'animal contre la maladie.

25) Anticorps dirigé contre le polypeptide tel que défini à la revendication 12 ou un fragment de ce polypeptide ayant la
25 même fonction.

26) Utilisation du gène CATfIIIA ou du facteur de transcription codé par ce gène selon l'une des revendications 5 à 12 pour la préparation de compositions utiles pour le diagnostic ou le traitement de maladies causées par la
30 levure pathogène *Candida albicans*.

27) Kit pour le diagnostic d'infections fongiques comprenant une séquence d'ADN tel que défini à l'une des revendications 5 à 11 ou une séquence ayant une fonction similaire ou un fragment fonctionnel de cette séquence, le polypeptide codé
35 par cette séquence ou un fragment polypeptidique ayant la même fonction ou un anticorps dirigé contre un tel

polypeptide codé par cette séquence d'ADN ou contre un fragment de ce polypeptide.

LISTAGE DE SEQUENCE

<110> Hoechst Marion Roussel

<120> Gène tfIIIA de Candida albicans (CATfIIIA) et la protéine codée CATfIIIA.

<130> BREVET 9824

<140>

<141>

<160> 9

<170> PatentIn Vers. 2.0

<210> 1

<211> 2060

<212> ADN

<213> Candida albicans

<400> 1.

```

ctttattagg aagattggct aggccatttt gtattacggg tctccaaagt gcaattgttt 60
tagtaaatat ccaatcattg ggcttcagtg tgaatggggg ttgtcaatct cttggtgtag 120
aaataggcgc aggctccga atcccaaaaa aagaagaatc aggatgtctc ggctgcaaga 180
tttgtagcca tggcaaatgc cgaaaaatga aaaaaaaaaa aaagtctact gggcccacct 240
acaaaaggaa aagtgattga actagatcag tagtgggtctg gacctctat aattttataa 300
tattgtcacg ggctttagaa tttgtataat tgtgtgtctg acactctgtg gttaatatct 360
ggacatctcg ttccccttgt gaagggtcgt ctgtaatgaa ttcattgatca agaataatat 420
gactttgtct acttcataga gtgccgactt gattattatt gagctttatc ctctgtaata 480
tatcgtaacc acttgactta tttccttgtt gtgggattca ctttgatga tgatgttaac 540
caaatgtaat tgggtacaatc ctttttgtcc ttgtcgcgac ttcctttaat atcgcgactt 600
atttcattaa tgagacgcaa cgcattcctc tctccataga aaaaaaaaaa aacaaactga 660
aaaaataaac agcggacctc atctcttttt ttcaaattca ctttttatta ctttattcaa 720
tgagtgaag tgacgaaacc aaatcgatat catctttaat atcttcttct tcttcatcac 780
gtcccaaaaa gtatatttgc acatatgaag ggtgtgataa agcctataat cgaccatcat 840
tattagagca acatttaaga acccacagta atgatcgacc gtataaatgt acagtggacg 900
attgtgataa agcatttttc agaaaatcac atttggaac acatattgta tcacattccg 960
aaaaaaaaacc attccattgt tcagtgtgtg gtaaaggggt taattctcga caacacttga 1020
aaagacatga aatcacccat acaaagtcac ttaaattgtac atttgaaaat tgtaagaag 1080
cattttataa acatcaatct ttaagacatc atatattatc tgttcatgaa aaacattaa 1140
cgtgtaaaca atgtaataaa gttttcactc gaccttcaa attagcacia cataaattaa 1200
aacatcatgg tggatctcct gcttatcaat gtgatcatcc tggttgtttt aaaaatttcc 1260

```

aaacttggtc agtattacaa ttcatataa aacaactgca tccaaaactt aaatgtccta 1320
 aatgtggtaa aggttgtgtt gggaaaaaag gtttatcttc acatatgtta agtcatgatg 1380
 attctaccat gatcaaaata tggacttgtg attattgtga tgtggggaaa tttgcaaaga 1440
 aaaatgaatt agttgaacat tataatatct tccatgatgg taatatccct gatgatttat 1500
 taaaggaaac tgaagtgaaa aaattagaga acctattaga tcaaggatcg aaattaaata 1560
 atttgcataa attagaaaca gagaaattaa aagtgggaaga agatgaagaa gatgaagaag 1620
 atagtctaga tgaaaaaaga agtgatgtta gatcagactc aatgtcagct caaagatcaa 1680
 taaaatcatt tactgcttct ttggaagggtt caaagagtgt ttctaaactt attctgaata 1740
 gtgggaagaa gatcaattgt cctaagaata attgtgatag aatgttttct agagaatatg 1800
 atttacgtcg acatttgaaa tggcatgatg ataatttaca aagaattgag tcattcttaa 1860
 atagtataga aaaagaagaa actccagaag gtgaaccatt ggtaaaaaaa gccaggatgg 1920
 atttattgcc aaatgaaaca tcagtgattt ctcgataata tacatttaaa attatattaa 1980
 catttttatt tcctttaatt ttattttttt gtgggctttt tattttacat tatttaactt 2040
 gacatattac tctcttaatg 2060

<210> 2
 <211> 1239
 <212> ADN
 <213> Candida albicans

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1236)

<400> 2
 atg agt gaa agt gac gaa acc aaa tcg ata tca tct tta ata tct tct 48
 Met Ser Glu Ser Asp Glu Thr Lys Ser Ile Ser Ser Leu Ile Ser Ser
 1 5 10 15
 tct tct tca tca cgt ccc aaa aag tat att tgc aca tat gaa ggg tgt 96
 Ser Ser Ser Ser Arg Pro Lys Lys Tyr Ile Cys Thr Tyr Glu Gly Cys
 20 25 30
 gat aaa gcc tat aat cga cca tca tta tta gag caa cat tta aga acc 144
 Asp Lys Ala Tyr Asn Arg Pro Ser Leu Leu Glu Gln His Leu Arg Thr
 35 40 45
 cac agt aat gat cga ccg tat aaa tgt aca gtg gac gat tgt gat aaa 192
 His Ser Asn Asp Arg Pro Tyr Lys Cys Thr Val Asp Asp Cys Asp Lys
 50 55 60
 gca ttt ttc aga aaa tca cat ttg gaa aca cat att gta tca cat tcc 240
 Ala Phe Phe Arg Lys Ser His Leu Glu Thr His Ile Val Ser His Ser
 65 70 75 80
 gaa aaa aaa cca ttc cat tgt tca gtg tgt ggt aaa ggg gtt aat tct 288
 Glu Lys Lys Pro Phe His Cys Ser Val Cys Gly Lys Gly Val Asn Ser
 85 90 95
 cga caa cac ttg aaa aga cat gaa atc acc cat aca aag tca ttt aaa 336
 Arg Gln His Leu Lys Arg His Glu Ile Thr His Thr Lys Ser Phe Lys

100					105					110						
tgt Cys	aca Thr	ttt Phe 115	gaa Glu	aat Asn	tgt Cys	caa Gln	gaa Glu 120	gca Ala	ttt Phe	tat Tyr	aaa Lys	cat His 125	caa Gln	tct Ser	tta Leu	384
aga Arg	cat His 130	cat His	ata Ile	tta Leu	tct Ser	gtt Val 135	cat His	gaa Glu	aaa Lys	aca Thr	tta Leu 140	acg Thr	tgt Cys	aaa Lys	caa Gln	432
tgt Cys 145	aat Asn	aaa Lys	gtt Val	ttc Phe	act Thr 150	cga Arg	cct Pro	tca Ser	aaa Lys	tta Leu 155	gca Ala	caa Gln	cat His	aaa Lys	tta Leu 160	480
aaa Lys	cat His	cat His	ggg Gly	gga Gly 165	tct Ser	cct Pro	gct Ala	tat Tyr	caa Gln 170	tgt Cys	gat Asp	cat His	cct Pro	ggg Gly 175	tgt Cys	528
ttt Phe	aaa Lys	aat Asn	ttc Phe 180	caa Gln	act Thr	tggt Trp	tca Ser	gta Val 185	tta Leu	caa Gln	ttt Phe	cat His	ata Ile 190	aaa Lys	caa Gln	576
ctg Ser	cat His	cca Pro 195	aaa Lys	ctt Leu	aaa Lys	tgt Cys	cct Pro 200	aaa Lys	tgt Cys	ggg Gly	aaa Lys	ggg Gly 205	tgt Cys	gtt Val	ggg Gly	624
aaa Lys	aaa Lys 210	ggg Gly	tta Leu	tct Ser	tca Ser	cat His 215	atg Met	tta Leu	agt Ser	cat His	gat Asp 220	gat Asp	tct Ser	acc Thr	atg Met	672
atc Ile 225	aaa Lys	ata Ile	tggt Trp	act Thr	tgt Cys 230	gat Asp	tat Tyr	tgt Cys	gat Asp	gtg Val 235	ggg Gly	aaa Lys	ttt Phe	gca Ala	aag Lys 240	720
aaa Lys	aat Asn	gaa Glu	tta Leu	gtt Val 245	gaa Glu	cat His	tat Tyr	aat Asn	atc Ile 250	ttc Phe	cat His	gat Asp	ggg Gly	aat Asn 255	atc Ile	768
cct Pro	gat Asp	gat Asp	tta Leu 260	tta Leu	aag Lys	gaa Glu	act Thr	gaa Glu 265	gtg Val	aaa Lys	aaa Lys	tta Leu	gag Glu 270	aac Asn	cta Leu	816
tta Leu	gat Asp	caa Gln 275	gga Gly	tcg Ser	aaa Lys	tta Leu	aat Asn 280	aat Asn	ttg Leu	cat His	gaa Glu	tta Leu 285	gaa Glu	aca Thr	gag Glu	864
aaa Lys	tta Leu 290	aaa Lys	gtg Val	gaa Glu	gaa Glu	gat Asp 295	gaa Glu	gaa Glu	gat Asp	gaa Glu	gaa Glu 300	gat Asp	agt Ser	cta Leu	gat Asp	912
gaa Glu 305	aaa Lys	aga Arg	agt Ser	gat Asp	gtt Val 310	aga Arg	tca Ser	gac Asp	tca Ser	atg Met 315	tca Ser	gct Ala	caa Gln	aga Arg	tca Ser 320	960
ata Ile	aaa Lys	tca Ser	ttt Phe	act Thr 325	gct Ala	tct Ser	ttg Leu	gaa Glu	ggg Gly 330	tca Ser	aag Lys	agt Ser	gtt Val	tct Ser 335	aaa Lys	1008
ctt Leu	att Ile	ctg Ser	aat Asn 340	agt Ser	ggg Gly	aag Lys	aag Lys	atc Ile 345	aat Asn	tgt Cys	cct Pro	aag Lys	aat Asn 350	aat Asn	tgt Cys	1056
gat Asp	aga Arg	atg Met 355	ttt Phe	tct Ser	aga Arg	gaa Glu	tat Tyr 360	gat Asp	tta Leu	cgt Arg	cga Arg	cat His 365	ttg Leu	aaa Lys	tggt Trp	1104

cat gat gat aat tta caa aga att gag tca ttc tta aat agt ata gaa 1152
 His Asp Asp Asn Leu Gln Arg Ile Glu Ser Phe Leu Asn Ser Ile Glu
 370 375 380

aaa gaa gaa act cca gaa ggt gaa cca ttg gtt aaa aaa gcc agg atg 1200
 Lys Glu Glu Thr Pro Glu Gly Glu Pro Leu Val Lys Lys Ala Arg Met
 385 390 395 400

gat tta ttg cca aat gaa aca tca gtg att tct cga taa 1239
 Asp Leu Leu Pro Asn Glu Thr Ser Val Ile Ser Arg
 405 410

<210> 3

<211> 412

<212> PRT

<213> Candida albicans

<400> 3

Met Ser Glu Ser Asp Glu Thr Lys Ser Ile Ser Ser Leu Ile Ser Ser
 1 5 10 15

Ser Ser Ser Ser Arg Pro Lys Lys Tyr Ile Cys Thr Tyr Glu Gly Cys
 20 25 30

Asp Lys Ala Tyr Asn Arg Pro Ser Leu Leu Glu Gln His Leu Arg Thr
 35 40 45

His Ser Asn Asp Arg Pro Tyr Lys Cys Thr Val Asp Asp Cys Asp Lys
 50 55 60

Ala Phe Phe Arg Lys Ser His Leu Glu Thr His Ile Val Ser His Ser
 65 70 75 80

Glu Lys Lys Pro Phe His Cys Ser Val Cys Gly Lys Gly Val Asn Ser
 85 90 95

Arg Gln His Leu Lys Arg His Glu Ile Thr His Thr Lys Ser Phe Lys
 100 105 110

Cys Thr Phe Glu Asn Cys Gln Glu Ala Phe Tyr Lys His Gln Ser Leu
 115 120 125

Arg His His Ile Leu Ser Val His Glu Lys Thr Leu Thr Cys Lys Gln
 130 135 140

Cys Asn Lys Val Phe Thr Arg Pro Ser Lys Leu Ala Gln His Lys Leu
 145 150 155 160

Lys His His Gly Gly Ser Pro Ala Tyr Gln Cys Asp His Pro Gly Cys
 165 170 175

Phe Lys Asn Phe Gln Thr Trp Ser Val Leu Gln Phe His Ile Lys Gln
 180 185 190

Ser His Pro Lys Leu Lys Cys Pro Lys Cys Gly Lys Gly Cys Val Gly
 195 200 205

Lys Lys Gly Leu Ser Ser His Met Leu Ser His Asp Asp Ser Thr Met
 210 215 220

Ile Lys Ile Trp Thr Cys Asp Tyr Cys Asp Val Gly Lys Phe Ala Lys
 225 230 235 240

```
<210> 4
<211> 21
<212> ADN
<213> Candida albicans
```

```
<400> 4
atgagtga aa gtagcga aac c 21
```

```
<210> 5
<211> 24
<212> ADN
<213> Candida albicans
```

<400> 5
attggaatgg ttttttttcg gaat 24

```
<210> 6
<211> 23
<212> ADN
<213> Candida albicans
```

<400> 6
tggtttcgtc actttcactc att 23

```
<210> 7
<211> 25
<212> ADN
<213> Candida albicans
```

<400> 7
atgttaagtc atgatgattc tacca 25

<210> 8
<211> 27
<212> ADN
<213> Candida albicans

<400> 8
ccttagaatt caccatgagt gaaagtg 27

<210> 9
<211> 27
<212> ADN
<213> Candida albicans

<400> 9
gctgagctcg agtattatcg agaaatc 27